⑩日本国特許庁(JP)

⑪特許出願公開

¹⁹ 公 開 特 許 公 報 (A)

昭63-185996

@Int Cl.4

識別記号

庁内整理番号

❸公開 昭和63年(1988)8月1日

C 07 K A 61 K C 07 K 3/00 39/29 13/00

8318-4H 7252-4C

8318-4H※審査請求 未請求 発明の数 17 (全20頁)

49発明の名称

B型肝炎 e 抗原の製造法およびその材料

②特 願 昭62-322654

23出 頭 昭62(1987)12月19日

優先権主張

發1986年12月19日發米国(US)到944,645

切み 明者

フィリツブ・アール・

アメリカ合衆国イリノイ 60085、ウオケガン、ジレツ

アンデルセン

ト・アベニユー 235番

73発 明 ラリー・ティー・ミム 者

者

アメリカ合衆国イリノイ 60046、レイク・ビラ、ショー

イサ・ケイ・マツシア

ショーニ・トレイル 8番

アメリカ合衆国イリノイ 60087、ウオケガン、アーサ

ウォー

ー・ドライブ 1923番

⑦出 願 人 アボツト・ラボラトリ ーズ

アメリカ合衆国イリノイ 60064、アボット・パーク(番

地の表示なし)

19代 理 人 最終頁に続く

眀

⑫発

弁理士 青山 葆 外1名

1.発明の名称

B型肝炎e抗原の製造法およびその材料 2.特許請求の範囲

- (1) カオトロープで変性させすみやかに非変 性パッファー中に希釈したときに、HBcAg免疫 反応性は実質的になくなっているが H BeAg免疫 反応性は保持している、HBcAg免疫反応性およ びHBeAg免疫反応性を有するポリペプチドをコ ードする核酸配列からなるポリヌクレオチド。
- (2) HBcAgをコードする配列の3"宋端か らし20ヌクレオチドが欠けた核酸配列からなる ものである特許請求の範囲第(1)項記載のポリス クレオチド。
- (3) 第8図に示すスクレオチド配列を有する ものである特許請求の範囲第(1)項記載のポリヌ クレオチド。
- (4) 該ポリペプチドが大腸菌発現産物である、 特許請求の範囲館(1)項記載のポリヌクレオチド のポリペプチド発現産物。

- (5) 第5因に示すヌクレオチド配列を有する ポリヌクレオチドをBgllで消化した産物である 特許請求の範囲第(1)項記載のポリヌクレオチド。
- (6) 第5回に示すヌクレオチド配列を有する ポリスクレオチドをHae耳、Rsa I および Hind ほで消化した産物である特許請求の範囲第(1)項 記載のポリヌクレオチド。
- (7) 特許請求の範囲第(1)項、第(2)項、第 (3)項、第(5)項または第(6)項記載のポリヌク レオチドのポリペプチド発現産物。
- (8) (a) 特許請求の範囲第(1)項のポリヌ クレオチドを発現してHBcAgおよびHBeAg免 疫反応性を有するポリペプチドを得、
- (b) 前記ポリペプチドをカオトロープ剤中で 変性させ、ついで
- (c) 前記変性された蛋白質を非変性剤中にす ばやく希釈すること

を特徴とする、HBeAs免疫反応性は有している がHBcAs免疫反応性に欠けたポリペプチドの部 造方法。

特別昭63-185996(2)

(9) 特許請求の範囲第(8)項記載の方法で得られたポリペプチド。

(10) (a) 特許請求の範囲第(3)項記載のポリヌクレオチドを発現してHBcAgおよびHBeAg免疫反応性を有するポリペプチドを得、

- (b) 前記ポリペプチドをカオトロープ剤中で 変性させ、ついで
- (c) 前配変性された蛋白質を非変性剤中にすばやく希釈すること

を特徴とする、HBeAg免疫反応性は有しているがHBcAg免疫反応性に欠けたポリペプチドの製造方法。

- (11) 特許請求の範囲第(10)項記載の方法で得られたポリペプチド。
- (12) カオトロープ剤が塩酸グアナジンである特許請求の範囲第(8)項または第(10)項記載の方法。
- (13) 郭変性剤がヒト血漿である特許請求の 範囲第(8)項または第(10)項配數の方法。
 - (14) 特許請求の範囲第(1)項記載のポリヌ

グループを検出することを特徴とする、試料中の H B e A gに対する抗体の検出方法。

- (18) 特許請求の範囲第(9)項記載のポリペプチドでコーティングされた固体支持体を試料と接触させ、ついで前配固体支持体を、リポーターグループの結合した抗ヒト抗体と接触させ、固体支持体上に存在するリポーターグループを検出することを特徴とする、試料中のHBeAgに対する抗体の検出方法。
- (19) 特許原求の範囲第(9)項配載のポリペプチドの有効量で動物を免疫させ、数動物の血清、血漿または他の体液から抗HBe抗体を単離することを特徴とする、特許請求の範囲第(9)項配載のポリペプチドに対するポリクローナル抗体の製造方法。
- (20) 特許請求の範囲第(19)項記載の方法により製造されたポリクローナル抗体。
- (21) 特許請求の範囲第(9)項記載のポリペ ブチドの有効量で動物を免疫させ、該動物からの 抗体産生細胞をミエローマ細胞と融合させ、HB

クレオチドからなる、生物学的に機能のあるDN A数生物形質転換ペクター。

- (15) 抗HBeでコーティングされた固体支持体を、試料および、特許請求の範囲第(9)項記載のポリペプチドからなる中和剤と接触させ、ついでリポーターグループの結合した抗HBeに前記固体支持体を接触させ、固体支持体上に存在するリポーターグループを検出することを特徴とする、試料中のHBeAsに対する抗体の検出方法。
- (16) 特許請求の範囲第(9)項のポリペプチドでコーティングされた固体支持体に試料をさらし、ついでリポーターグループの結合した特許請求の範囲第(9)項記載のポリペプチドに前配固体支持体を接触させ、固体支持体上に存在するリポーターグループを検出することを特徴とする、試料中のHBeAsに対する統体の検出方法。
- (17) 特許請求の範囲第(3)項記載のポリペプチドでコーティングされた関体支持体を、試料および、リポーターグループの結合した抗HBeと接触させ、関体支持体上に存在するリポーター

eAsに対するモノクローナル抗体を速生する 若地中のハイブリドーマを単離し、 若地から跛モノクローナル抗体を精製単離することを特徴とする、特許請求の範囲第(9)項記載のポリペプチドに対するモノクローナルの製造方法。

- (22) 特許請求の範囲第(21)項記載の方法 により製造されたモノクローナル抗体。
- (23) 薬学的に許容しうる希釈剤、アジュバントもしくは担体および特許請求の範囲第(9)項 記載のポリペプチドからなるワクチン。
- 3.発明の詳細な説明

[度業上の利用分野]

本発明は、一般に、組換えDNA独によるB型 肝炎 e 抗原(以下、HBeAgという)製造のため の方法および材料に関する。とりわけ、本発明は、 HBeAg活性を有するポリペプチドをコードする DNAに由来するHBeAg、および組換えHBe Agの変性および希釈による適当なエビトープの 精製および派生(derivation)に関する。

{從未技術}

特開昭63-185996(3)

B型肝炎ウイルス(以下、HBVという)は、以前は「血情肝炎」として知られ、今はB型肝炎として知られて知られている病気を引き起こす。世界中でHBVのキャリヤーは2億人に連すると推定されている。 味ウイルスの感染は、急性および/または慢性の肝臓病の主要な原因である。HBVウイルスのキャリヤーは、肝萎縮硬変および肝臓癌の高い危険性がある。

HBVは、ヒト血情中ではデイン粒子として同定されている。デイン粒子は、直径が42 nmであり、脂質、DNA、および少なくとも4種のタンパク質、すなわち、B型肝炎表面抗原(以下、HBsAsという)、B型肝炎コア抗原(以下、HBcAsという)、HBeAsおよびDNAポリメラーゼを含んでいる。

H B o A gはデイン粒子のコアの一部であり、主要な構成ポリペプチドであって、H B V に感染したヒトの血清中では上述の形態、または免疫グロブリンG(以下、 I g G という)と結合して存在する [イマイら(I mai ot ai)、J. I mmunol.,

思考の血情である。HBeAsを血情から精製することは困難である。その理由は、HBeAsは非常に低い決定(<1ns/nl)で存在し、しかもそれ自身同士または1gGもしくは血情アルブミンと要集し、そのため、分子量および電荷に関して分子的に不均質になるからである [ヤマデら(Yamade et al)、J. Gen. Virol.,55巻、75~86(1981)]。

血清HBeAgの精製には一般にアフィニティーカラムが用いられ、その場合、抗HBeをリガンドとして用い、その上にHBeAgを含有する血清を領環させる。ついでHBeAgを、高い塩または低いpHのような厳しい条件を用いて溶出させる。 溶出されたHBeAgをゲル濾過に付す [イマイら、J・Immunol、128巻、69~72(1982)]。

HBeAgはまた、タンパク分解酵素、患元剤、 音波処理、カオトロープ剤(chaotropic agents) での処理、またはCsCl中での勾配達心を用いて HBcAgをHBeAgに変換することによって得る 128巻、69~72(1982)]。ヒト血情中 にHBeAgが存在することは、高い感染性と関連 しており、肝臓病の経過を予測する上で予後上価値を有する {マッケイら(MacKay et al)、 J. Med. Virol..8巻、237~243(1983)]。

HBcAgおよびHBeAgの両方ともディン粒子のコアに結合しており [タカハシら (Takahashi et al)、J. Ianunol.,22巻、275~279(1979)]、HBVゲノムの一つの領域にコードされている [ルーシンクら(Roosinck et al)、Mol. Cell. Biol.,6巻、1393~1400(1986)]。したがって、予後指示薬としてのHBeAgの有用性にもかかわらず、イムノアッセイでの試薬として直接使用するためまたはそのようなイムノアッセイに使用するためのポリクローナル抗体もしくはモノクローナル抗体の産生を高めるために必要な、HBsAg活性およびHBcAg活性を有しないHBeAg質製物を製造することは困難である。

「HBeAsの主要な採取源は、HBVに感染した

こともできる [オーリイら(Obori et al)、 Intervirology、13巻、74~82(1980) 】。変換のためのHBcAgの採取源は、HBVに 愚染した患者の死後の肝臓である。肝臓由来の H BcAgからHBeAgを得るには、肝臓組織を抽出 し、CsCl勾配上にペレット化して納粋なHBc Ag鋼製物を得るようにしなければならない。つ いでHBcAg講製物を、SDSおよびβーメルカ プトエタノールで処理してHBeAgが得られる [フェルンスら(Ferns et al)、J. Gen. Virol., 65卷、899~908(1984)]。 しかしながら、感染された血清や組織を用いるこ とは、それらに由来する抗原性調製物中に感染性 の物質が保持されている危険性をはらんでいる。 さらに、上配調製物では、HBcAgや他のHBV 抗原でH BeAs開製物が汚染されることを完全に 数ぐことばできない。

HBcAsを得る他の方法は、組換えHBcAsを タンパク分解酵素で簡化する方法である(ヨーロッ パ特許出顧部75395号:およびマッケイら、 上途)。しかしながら、この方法で得られた HBeAgはHBcAgにより相当汚染されており、 低収率でしか回収することができない。

組換えプラスミドベクターを用いて哺乳類細胞 中のHBVゲノムのコア領域を発現させるとHB oAgを分裂させることができる【ルーシンクら、 上述:ブルスら(Bruss et al)、B型肝炎ウイ ルスの分子生物学に関する1986年年会におけ る論文のアブストラクト(Abstracts of Papers Presented at the 1986 Meeting on Molecular Biology of Hepatitis B Viruses)、 8月28日 ~8月31日、1986、於ニューヨーク、コー ルドスプリングハーパー、コールドスプリングハ ーパーラポラトリー、アブストラクトNo. 14 (1984);オウら(Ou et al)、B型肝炎ウイ ルスの分子生物学に関する1988年年会におけ る論文のアプストラクト、8月28日~8月31 日、1986、於ニューヨーク、コールドスプリ ングハーバー、コールドスプリングハーバーラボ ラトリー、アプストラクトNo. 15(1982)]。

とができ [ブドゥコウスカら(Budkowska et al)、 J. Immunol. Methods, 5 1 巻、3 4 1 ~ 3 4 6 (1982)]、また他の組換え発現産物をすば やく希釈して精製、変性したのち適当に復知させ ることもできるが[(ブライアーら(Prior et al)、 PCT公報No. WO85 / 05637]、組換 えHBeAg(rDNA HBeAg)を変性および精 製したのちHBcAg活性をなくしHBeAg活性の みを選択的に保持させるための方法が望まれてい る。

[発明の構成および効果]

本発明のポリヌクレオチドは、本質的に、 HBcA s免疫反応性およびHBeA s免疫反応性を 有するポリペプチドをコードする核酸からなって おり、このものは、カオトローブ(chaotrope) で変性させすみやかに非変性バッファー中に希釈 したときに、HBcA s免疫反応性は実質的になく なっているがHBeA s免疫反応性は保持している。 本発明の好ましいポリヌクレオチドは、第8回に 示すポリヌクレオチドである。上記ポリヌクレオ しかしながら、この方法によっても、HBcAgに よる汚染をなくすことはできない。

純粋なH BeAgを得る一つの方法は、H BeAg でない部分をコードする領域を取り除さ(マッケ イら、上述)、天然に存在するHBeAsをコード する配列のみを残すようにした〔タガハシら、〕. I mmuno1. , 1 3 0 巻、2 9 0 3 ~ 2 9 0 7 (1 9 83)】組換えHBcAgコード配列の直接の遺伝 子産物としてHBeAsを表現することであると思 われる。HBeAgコード領域の大勝南遺伝子産物 を産生することができるが [マら(Ma et ai)、 B製肝炎ウイルスの分子生物学に関する1986 年年会における論文のアプストラクト、8月28 日~8月31日、1986、於ニューヨーク、コ ールドスプリングハーバー、コールドスプリング ハーパーラボラトリー、アプストラクトNo. 2 5]、この種の方法で得られる産物はHBcAg活 性が残っており、有用性が制限される。

さらに、SDSおよび2-メルカプトエタノー ルで処理することによりHBcAsを失活させるこ

チドを含む生物学的に機能を有するDNA形質転 機ベクターで形質転換された細菌、酵母もしくは 哺乳類細胞の発現産物であるポリペプチドもまた 本発明において好ましい。

本発明によるポリペプチドは、イムノアッセイ に直接使用することができ、リポーターグループ もしくは支持体に結合させてそのようなアッセイ に使用することができ、またポリクローナル抗体 およびモノクローナル抗体を慶生させるため、も しくはワクチン製品として使用することができる。

つぎに実施例を用いて本発明をさらに詳しく説 明するが、本発明はこれらに限定されるものでは ない。

実施例1ではHBcAg産生クローンの構築が記載される。実施例2では、実施例1のHBcAg産生クローンの欠失変具体の構築が説明される。実施例3は、HBeAg免別産物および実施例2の欠失変具体の免疫反応性についてのアッセイの結果を示す。実施例4では、実施例2の欠失変具体からのHBeAgの産生および単離が説明される。実

特開館63-185996(5)

施供5には、実質的にHBcAg価性をなくし
HBcAg価性を保持するための積製および処理が
記載される。実施例6では、EIAおよびRIA
中和アッセイにおける本発明による組換えDNA
HBcAgの性能が、ヒト血漿由来HBcAgの性能
と比較される。実施例7では、本発明による組換
えDNA HBcAgを用いた種々のイムノアッセ
イが記載される。実施例8では、本発明による抗血清およびポリクローナル抗体の製造が記載される。
実施例9では、HBcAgに特異的なものである。
実施例9では、HBcAgに特異的な本発明による
モノクローナル抗体の製造が記載される。

実施例 1

HBeAg産生クローンを構築するためには、HBcAgの生合成が可能な構築をすることが必要であった。

ディン粒子(慢性的に感染した個人の血清から 単離)から単離したHBV DNAのクローニン グを、パレンヴェラらの文献 [Valenzuela et al, Nature, 280巻、815~819(197

かめるため、またHBcAsをコードする遺伝子の位置を知るために、第1回に示すような、HBVクローン(pHBV-8と称す)の詳細な制限エンドヌクレアーゼ地回を作成した。この地図は、制限部位の位置を決定するために選当な単一もしくは複数の酵素で消化することにより作成した。発行されている制限エンドヌクレアーゼ地図および配列データ [パレンツエラら、Animal Virus Genetics、ヤーニッシュら(Jaenish et al)縄、アカデミックプレス、57~70(1980);ガリパートら(Galibert et al)、Nature、281巻、646~650(1979)] と比較することにより、HBsAsまたはHBcAsをコードしている可能性のあるウィルスDNAの領域を何定した。

組換えDNAクローンがHBCAg合皮のための 完全な遺伝子を含んでいるかどうかを決定するた めに、HBCAgをコードしていると思われる(上 配で引用した発行された地図および塩基配列に基 づいて)領域の塩基配列を、マキサムらの文献 【Mixam et al, Methods Enzymol...68巻、 8)] に記載の方法に従って行った。

上記DNAを、生体内DNAポリメラーゼ反応 [アルスカら(Hruska et al), J. Virol., 23巻、368~376(1977)] により **PーATPおよび**P-CTPで標示し、ラン グースら [Landers et al, J. Virol., 23 巻、368~76(1977)] の方法に従って精 難した。単離した材料から精製されたDNAはエ ンドヌクレアーゼEcoRIで消化し、約3200 塩蓄対(bp)の単一のEcoRI断片を得た。この3 200bp断片をプラスミドpBR322のEcoR Ⅰ部位に連結し、この連結産物で大陽菌chi-1 776株を形質転換した。形質転換の結果得られ たコロニーは、テトラサイクリンに対する感受性 【ポリバーら(Bolivar et al), Gene, 2巻、 95~113(1977)] およびプラスミドの分 析 [パーンズ(Barnes), Science, 195巻、3 93~394(1977)] によりスクリーニング

材料がクローン化されたHBVであることを確

499~560(1980)] に記載の方法によって決定した。pHBV-8のクローン化HBcAs 部位のヌクレオチド配列を第2図に示す。得られたDNA配列を発行された配列と比較することにより、HBcAsのコード懐城は完全であることがわかった。それゆえ、そのクローン化HBV DNAを、振奮でのHBcAs合成のためのプラスミドを製造するために用いた。

本実施例および以下の実施例においてクローンの構築のために用いられた組換えDNA技術は、マニアティスらの文献 [Molecular Cloning、A Laboratory Manual、Maniatis et al、Cold Spring Laboratory、75~186(1982)] に詳細に記載されている。HBcAgの合成のための分子構築は、第3図に図式的に説明されている。クローンpHBV-8のHBV DNA挿入体を制限エンドメクレアーゼHha1 [ニュー・イングランド・パイオラブズ、ビバリー、マサチューツ (New England Biolabs、Beverly、Massachusetts)] で情化することから構築を始めた。消化は、製

特開昭63-185996 (6)

連集者の説明書に従って、50mM TrisーHC I(pH8.0)、5mM MgClsおよび0.5mMジテオトレイトールの存在下で行った。制限エンドスクレアーゼ地図作成および核酸配列分析によって、およびスクレオチド配列を発行された配列データ(パレンツエラら、上述)と比較することによって、上記消化の結果得られた1kbp DNA断片がHBcAgのための完金なスクレオチド配列を含んでいることが判った。

組換えタンパク質の実質的な量を得るために、 βーガラクトシダーゼをコードするプラスミド由 来の遺伝子にクローン化DNAを融合することが できる。この融合は、βーガラクトシダーゼのα ーサブユニットをコードする領域内の「普遍クローン化部位」を使用することによりなされる。β ーガラクトシダーゼとHBCAgとの間の融合物は 安定である [スタールら(Stahlet al)、Proc. Nat'!. Acad. Sci. (USA), 7 9巻、16 0 6~1610(1982)]。

プラスミドpUC9[ピー・エル・パイオケミ

参照)。この酵素は、種々の長さのDNA断片が得られるようにDNA分子の関末端から塩蓋を取り除く。BAL3 [(ニュー・イングランド・パイオラブズ)は製造業者の説明書に従って使用し、消化は、600mM NaC1、12mM CaCla、12mM MgC1a、20mM Tris~HCi(pH8.0) および1.0mM EDTAの存在の下で行った。消化の程度をモニターするために、EDTAを33mMまで加えフェノール抽出することによって反応を1.2.4.6 および8分に停止させた。生成物をアガロースゲル上の電気状動により分析した。

ヌクレアーゼBAL31処理によって生成した 分子がブラントエンドを有していることを確実に するために、一本額の特異的エンドヌクレアーゼ であるヤエナリヌクレアーゼ (suns bean nuclease) およびブラントエンドを有するDNA 分子を生成することのできる酵素であるT4DN Aポリメラーゼでこれらの分子を処理した。ヤエ ナリヌクレアーゼ(ビー・エル・バイオケミカル カルズ、P.L.Biochemicals、Milwaukee、Wisconsin)]を発現ベクターとして選択した。このブラスミドは、各額随中で少なくとも10~15コピーの遺伝子を発現し続けることができる。この遺伝子は、大腸菌JM103およびJM83株(ともにピー・ユル・バイオケミカルズより入手可)中でβーガラグトシダーゼを合成するために必要な遺伝子を含んでいる。

「遺伝子(細菌宿主 J M 1 0 3 または J M 8 3 株のゲノム内)を、β-ガラクトシダーゼプロモーター(P₁ac)から転写される遺伝子の発現をコントロールするために用いることができる。タンパク質塵物が宿主に対して毒性を有する場合には上記コントロールはまわめて有用である。

HBcAgをコードする領域の両側面に位置する 部分は、肝炎DNAの非コード配列である。それ ゆえ、これらの非コード領域は、最大のHBcAg 産生が得られるように住意深く削り取った。それ は、HhaIDNA断片をヌクレアーゼBAL31 による慣化に供することにより行なった(第4回

ズ)は製造業者の説明書に従って使用し、BAL 3 1 処理したDNAの消化は、 2 0 mM酢酸ナト リウム(pH 4.6)、50 mM NaCl、1 mM 硫酸 亜鉛の存在下、37℃で30分間行った。反応生 皮物は、ついでフェノール抽出しエタノールで沈 義させた。これらの生成物は、遠心分離し水中に 榕解することによって回収したのち、製造業者の 説明書に従ってT4DNAポリメラーゼ(ピー・ エル・パイオケミカルズ)で処理した。反応は、 6 7 mM Tris-酢酸 (pH 6 . 7) 、1 0 mM MgCls、5aM ジチオトレイトール、50 #g /mg BSA、および各33mMのdTTP.dCT P,dGTP,dATPの存在下で行った。 反応混合 物を1:5℃で30分間、37℃で10分間インキュ ベートした。反応混合物中の生成物をアガロース ゲル電気泳動によって分離し、大きさが700~ 900塩基対の断片を電気溶離によってブールし エタノール沈教によって収集した。

プールし収集したHha I 処理断片は、ついでS wa I で切断したpUC 9 DNA [ベセスダ・リ

特別昭63-185996(ア)

サーチ・ラブズ、ゲイターバーグ、メリーランド
(Bethesda Research Labs, Gaitherberg, Maryl
and)] と等モル比で結合させた。上紀間DNAを
エタノールで再沈載させ、ついでペレット化して
陳結乾燥した。試料を水中に溶かし、最終過度で
50mM TrisーHCI (pH7.5)、20mM
ジチオトレイトール、1mM ATP、10mM
MgClicした。ついでT4DNAリガーゼ(ビー・
エル・バイオケミカルズ)を加え、4つで48時
間連結反応を行った。

得られた連絡DNA分子を、マンデルらの文献
[Mandel et al, J. Moi. Biol., 53巻、
154(1970)] に記載の方法にしたがって、
大陽南JM83株のトランスフェクションに使用
した。JM83株御路を一夜培養したもの0.5
maを、新鮮なN2Y培地 [薫留水14中にN-2
アミンタイプA(N-2 Amine type A,
Humko Sheffield, Memphis, Tennessee)10g、NaCl 5g、MgCl₂7H₃O 2g、酵母エキス5g、pHは6N NaOHで7.0に舞動]5

ランスレーションにより、それ用のキット [アマーシャム,アーリントン・ハイツ,イリノイ(Amersham, Arlington Heights, Illinois)] を用いて**Pで標識した。このプローブを、以降の細菌コロニーの同定に利用した。

個々の細菌コロニーを、lacプロモーターの制御下で遺伝子の発現を誘発する化学物質である IPTG(ペセスダ・リサーチ・ラブズ)4×10 でMの存在下、NZY培地20m2中で一夜増殖させた。細菌細胞溶整液を以下のようにして調製した[スタールら、Proc. Natl. Acad. Sci. (USA)、79巻、1606~1610(1982)]。細胞を25%ショ糖0.075m2および50mMTrisパッファー(pH8)中に再び駆満した。0.25MTrisパッファー(pH8)中に再び駆満した。0.25MEDTAを加え、細胞を氷水裕中に5分間放便した。つぎに、1%Triton Xー100[®]界面活性剂[シグマ・ケミカル・カンパニー(Sigma Chemical Company)]、0.4%デオキシコール酸ナトリウム、50mMTrisパッ

0 ≈2中にすばやく挟御し3 7 ℃で2 時間増殖させ た。ついで細菌細胞をペレット化し、10mM NaCl 25m2中で2回洗浄した。最終のペレッ トも30mM CaCl, 25ag中に再び懸濁し、氷 俗に30分間放置した。この細胞をペレット化し、 30mM CaCla 1.5ml中に再び懸濁した。こ の細胞は、形質転換に適したものであった。細胞 懸濁液200μgに連結DNA1μgを加えた。級 数を氷上に5分間放置し、ついで42℃で2分間 インキュペートすることによって熱ショックに付 した。各トランスフェクションにNZY培地2. 5 mlを加え、細胞を37℃で1.5時間インキュ ペートした。寒天1.5%およびアンピシリン4 O μg/mQを加えたN2Y培地を含むプレート上 に細胞を広げた。プレートを37℃で一夜間イン キュペートした。ついで、細菌コロニーをコロニ ーハイブリダイゼーション 【マニアティスら、上 述(1982)] に付してHBcAg遺伝子の挿入を スクリーニングした。HBcAsをコードする配列 のみであると同定されたBgliが片を、ニックト

ファー(pH 8)および 6 2.5 mM EDTAの移 被 0.1 2 m2を加えたのち、得られた細胞懸濁液 を水水浴中に 0 でで 1 0 分間放置した。

細胞懸満液をフルパワーで30秒間3回音放処 湿した。音波処理物を75Tiローター {ペック マン・インダストリーズ、パロ・アルト、カリフォ ルニア(Beckmann Industries, Palo Aito, California)] 中で30,000rpmで30分間遠 心分離することにより荷澄化した。

HBCAs遺伝子挿入物を有するプラスミドを含む個々の細菌コロニー(クローン)に由来する清澄化した音波処理物を、以下の方法によりHBCAg 活性について免疫学的にスクリーニングした。清澄化した細菌溶菌液の試料 0.2 m2を、いくつかのアッセイウェルの各々に加えた。抗HBcで覆われたピーズ {アポット・ラポラトリーズ (Abbott Laboratories)}をウェルに加え、速速で24時間インキュベートした。これらのピーズは、ついで水で3回洗浄した。1mm [で標識した抗HBc(放射活性最大7.7μCi/mg;アポッ

特開昭63-185996 (8)

ト・ラボラトリーズより入手可)0.2mgを各ウェルに加え、45HBcAg Cで4時間インキュペートした。つぎにビーズを水で3回洗浄し、ガンマカウンター(ANSR® 器具、アポット・ラポラトリーズ)中でガンマ放射をカウントした。

要つかの細菌コロニーが、細菌中でHBCA8の生合成を行い得ることが見出された。異なったクローンがスクリーニングされた場合、HBCA8座生のレベルにおいて200倍もの違いがあった。この違いは、各クローンで異る構築の一次構造に依存していることがわかった。HBCA8をあるいレベルで産生したクローンは、12.88bと表した。クローン12.88bのコードストランドの一次構造をDNAシークエンシング [マキサム ら、Methods Enzymoi.,68巻、499~560(1980)]により決定し、第3四に示した。核酸配列から導き出されたHBCAgタンパク質酸合ベブチドのアミノ酸配列を、第5回に示す。

同様に、単葉されたHae国断片をHpaIIで補化 することによってクローン I 6 系列プラスミドが 待られた。HpaIIでの補化はDNA分子上に付着 端を生じるので、系列 I 6 のHpaII 断片の末端は T 4 DNAポリメラーゼを用いて塞ぎ、ブラント エンド化された分子を得るようにする。

15および16の両系列補化物からのブラント エンド化された分子をHind屋で切断し、ついで Hind回およびSmaIで切断されたpUC9プラス ミドに連結し、これを大腸菌JM83株の細胞を 形質転換するために用いた。

クローン 18系列プラスミドは、クローン 12.88bからHBcAs DNA配列が内部欠失したものである。クローン 12.88bをBs1まで消化した。この情化物からの最も大きな断片は、PUC9プラスミドDNA、および内部のコアをコードする配列が欠失したHBcAs DNAを合んでいた。この線状断片を、実施例 1と同様にして、再び環状化し、連結し、ついで大腸密 JM83株の細胞の形質転換に供すると、HBcAs遺伝

美施例2

HBOA8産生クローンの欠失変異体を、第6国に示すようにして提集した。3系列の構築物を作製した。クローン12.88bに対するそれらの関係を第7国に示す。制限酵素による簡化を製造業者の説明書に従って行い、実施例1と同様にして連結反応を行った。

系列15および16の構築物は、実施例1の手順に従ってクローン12.88bからプラスミドを単態し、得られたプラスミドをHae回で補化することによって震観した。

ついで、HBCA g遠伝子内にブラントエンド切断を生じる R sa I (ニュー・イングランド・パイオラブズ)でHae頭断片を制限エンドヌクレアーゼ開發することによりクローン I 5 系列ブラスミドを得た。得られたDNA断片は、ついで制限エンドヌクレアーゼ Hind皿 (ベセスダ・リサーチ・ラブズ)で情化し、ついで S ma I および Hind 皿で切断されたpU C g プラスミドDNAに直接連結した。

子の5'来端からのコード配列100bpおよび HBcAs遺伝子の3'来端からの30bpが単一の mRNAに転写された。上記コード配列の3'来端 は、第5回に示したクローン12.88bの配列に 蒸く5'コード配列と同じフレーム内にあるので、 その領域によりコードされるタンパク質は、HBc Agのアミノ末端アミノ酸およびカルポキシル末 端アミノ酸の両方を有する。

大陽南JM83株をクローン15.16.および
18系列プラスミドで形質転換したのち、形質転 操体を実施例1の手順に従いコロニーハイブリダ イゼーションによってスクリーニングした。実施 例1に記載したHBcAs DNAに特異的なプロ ーブとハイブリダイズしたコロニーを、ついでH BcAs免疫反応性について分析した。

実施例3

各系列の一つのプラスミドを有する簡単を含む 個々の機能コロニーも、lacプロモーターの制御 下で遺伝子の発現を誘発する化学物質であるイソ プロピルチオーターガラクトシド(JPTG)4×

特開昭63-185996 (金)

10 Mの存在下、NZY培地中で一夜増殖させた。銀電細胞部醫液を実施例1に記載したようにして開製し、ついで実施例5に一般的に記載されているようにしてHBcAgがよびHBeAgの両方について分析した。

HBcAgアッセイは実施例1に記載したようにして行った。このアッセイの結果を第1表に示す。
HBeAgアッセイでは、精液化した細胞溶菌液の試料0.2mgを、いくつかのアッセイウェルの各々に加えた。抗HBeでコーティングしたビーズ(アポット・ラポラトリーズ)をウェルに加え、速温で24時間インキュペートした。ついでビーズを水で3回洗浄したあと、1mg Iで頻識した抗HBe(放射活性最大3.8 μCl/mg、アポット・ラボラトリーズ)0.2mgを各ウェルに加えた。このアッセイの結果もまた第1表に示す。

し得ることを示している。

クローン16.4の配列を決定した。その結果 を第8回に示す。クローン18.4のDNA配列 を分析したところ、HBcAgコード配列の120 bpが 3 *末端から欠失していることが見出された。 このことは、タンパク質のカルボキシル末端から 40個のHBcAgコードアミノ酸が欠損し、また 細菌プラスミド配剤との融合による9アミノ酸が 抵加されたことになる。クローン16.4の構築 に続いて、天然のHBσAgのカルポキシル宋端配 列を決定した [タカハシら (Tskahashi et al)、 J. I mmunol.,130卷、2903~2907. (1983)]。 H BeAgのカルボキシル末端アミ ノ酸は、-Thr-Thr-Val-Valまたは-Thr - Thrであり、一方、クローン16.4において コードされたHBeAgのカルボキシル宋蝿アミノ 酸は-Leu-Pro-Gluである。これらのアミノ 酸は、天然のHBeAgに見られるThrーThrのす ぐ時にある。それゆえ、クローン16.4により 産生された抗原は、天然のHBcAgに見られるア

第1表

	HBcAg試験 C.p.m	H BeAg試験 C.p.m
クローン 15.3	28.000	46.000
クローン 15.8	24.000	15.000
クローン 15.10	6.000	9.000
クローン 16.2	118.442	172.830
クローン 16.4	89,206	163.280
クローン・18	3,500	7.200
クローン 12.885	120.424	30.000
機性対照 (PBS+10%)>胎子血	500 t 祷)	300

各系列のすべてのクローンを両方のアッセイで 反応させた。 期待されたように、発現プラスミド 中に残ったHBcAgコード配列が少なくなればな るほど、HBcAgアッセイ反応性は少なくなった。 HBcAgおよびHBeAgアッセイでのクローン 1 6:2 およびクローン 16:4 の発現産物が相対的 な反応性を示すことから、これら二つのクローン が天然のHBeAgに類似したポリペプチドを発現

ミノ酸の2~4個が欠落している。

天然におけるHBcAgのHBsAgへの変換は、 抗原のタンパク質分解酵素による開裂とタンパク 質の3次構造の変化とを含む2工程でおこなわれ るものと思われる。タンパク質分解酵素による腕 裂の工程は、本発明ではHBcAgコード配列の欠 失で置き換えられている。欠失変異体クローン 16.4は、そのタンパク質がβ-ガラクトシダ ーゼのa~サブユニットに融合され、また抗原度 生細胞から抽出されたときに、集合した複合体と して存在する他は、天然のHBeAgに非常によく 似たタンパク質を産生する。これらの分子集合体 の変性は、分子が真のHBeAg特性を有するよう になるために必要であるように思われる。変性に よるこの効果は、クローン12.8 8b抗原および クローン16.2抗原を積々の変性条件に処理し たときの比較から明らかである。

クローン 12.88bおよびクローン 16.2からの銀窗抗原(すでに配載したようにして実験)の 当量を試験管に等分に分け、複およびパッファー

特開昭63-185996 (10)

議度を所望の最終決度に舞節した。処理Ⅰに供し た試験管には、10mM Tris-HC1(pH7.5) 、100mM NaCiおよびimM EDTAがを 加えた。処理IIに供した試験管には、50mM Tris-HC1(pH 8.5), 8M GuHC1, 6 mM EDTAおよび6mMジチオトレイトールを加え た。処理皿に供した試験管には、10mM Tris -HC1(pH7.5), 100mM NaC1, 1mM EDTA 0.1%ドデシル硫酸ナトリウムおよ び I 0 mM βーメルカプトエタノールを加えた。 ついで、これらのパッファー中の抗原を45℃で 3 0 分間加熱した。 編製物は、ついで 1 0 mM Tris-HCI(pH7.5), 100mM NaCl# よび I mM EDTAを含むパッファーに対し数 底的に透析した。ついで抗原調製物は、すでに途 べたようなHBcAgおよびHBoAgアッセイにて それらの反応性について分析した。すべての結果 は、抗原を弈変性条件にさらすパッファーを用い た処理Iの結果を基準にして表わした。結果を第

2.88bのHBcAs遺伝子産物全体を変性条件に 供しても、分子上のHBcAs反応性エピトープを 取り除くことはできない。欠失変異体16.2を 変性剤で処理することのみが、HBeAsアッセイ において優先的に反応性を示す材料を提供するこ とができる。これらの結果は、HBeAsにのみ反 応性を示す分子が欠失および変性によって生成さ せ得ることを示す最初のものであった。 実施例4

2.表に示す。第2表は、HBcAgおけるHBeAg

クローン16.2の増離およびHBeAgの単離を以下のようにして行った。それぞれNZY+チアミンプロス [ディフコ、デドロイト、ミシガン (Difco, Detroit, Michigan)] 2gを入れた4gフラスコ5本を調製し、製造業者の説明書に従ってオートクレーブに付した。培地を冷却すると同時にアンピシリン200mgおよびIPTG(シグマ・ケミカル・カンパニー)を各フラスコに無菌的に加え、撹拌して混合した。

夜のうちに開始した培養液から大島曹 1 5 mgを 各フラスコにとり、200±25 rpm、37つで イムノアッセイにおける根換えDNA HBcAg およびHBeAgの反応性に対する変性の効果を示 すものである。

第2表

クローン12.88b抗原 クローン16.2抗原 処理 HBcAg HBcAg HBcAg HBcAg アッセイ アッセイ アッセイ

	アッセイ	アッセイ	アッセイ	アッセイ
I	100x	100%	100%	100%
α	113 x	130x	8%	103×
P	124×	146×	18%	107×

上記の結果から明らかなように、クローン12. 88bおよびクローン18.2からのタンパク質を 非変性条件に供するとHBcAgおよびHBeAgの 両方のアッセイにおいて反応性のタンパク質とな ることから、HBcAg遺伝子配列の欠失が、純粋 にHBeAg反応性の分子を生成させるには不充分 である。さらに、クローン12.88bについての 処理I.目およびHBcAgとHBeAgアッセイに おける反応性に示されているように、クローン1

22±6時間撹拌した。インキュペーション後、 5本のフラスコはかなりの網面性生物量を有していることが視覚的に認められた。網面は、10, 410×s、2~8でで20分間ペレット化し、 辨費された増地は捨てた。ペレットは、残る手順 のために氷上に置いた。ペレットを、M9最小塩 糖液(ディフコ、デトロイト、ミシガン)と2%グ ルコースとの総容量300mgに再び懸濁し、プー ルした。細面懸濁液を再び上記のようにしてペレット化し、上遺み液を捨てた。

0.05M Tris(pH8.0)に25%ショ糖を加えたパッファー67.5m2を含む溶液を細菌ペレットに加え、ペレットをパスツールピペットで再び懸濁して細菌の凝集塊をばらばらにした。
0.25M Trisおよび0.25M EDTA(pH8.0)からなるパッファーを調製し、25m2を細菌懸濁液に加えた。懸濁液を撹拌し、水上に放散して10分間インキュペートした。溶菌パッファー[0.5mM Tris、1%Triron X-100®、0.01M EDTA、アプロチニン1mgおよび

特開昭63-185996 (11)

フェニルメチルスルホニルファ化物(PMSF)2 2mg)を前もって冷却し、この溶菌パッファー1 08mgを上記級菌懸海波に加えた。得られた溶破 を、各サイクルの間を1もしくは2分間あけて、 それぞれピブラーセル(Vibra-Cel)音波処理器 [サイエンス・アンド・マテアリアルズ・インコーポレーテッド、ダンベリー、コネテカット (Science and Naterials Inc., Danbury, Connecticut)]を用い、30秒間10回音波処理 した。

音波処理した細菌懸濁液を各遠心管に振り分け、 135.000×8で30分間回転させて溶液を清 後化した。運転を終えると、組換えタンパク質を 合む情液化した溶菌液をデカントにより取得し、 ペレットは捨てた。溶菌液を直線ショ糖勾配(0%~60%)に置き、18~24時間違心分離 した。各フラクションを集め、市販の診断試験キット(Abbott-HBeとしてアポット・ラポラトリ ーズから入手可)を用いてHBeAs活性の存在に ついてアッセイした。最も高いHBeAs活性を有

血漿で1:100に着釈した。

	、比插性 (抗原插性/mgタンパク質)	
	H B e A g活性	H B c A g括包
変性的	4.2×10*	1.2×10°
変性後、すばやく 1:100希釈した 非遺析材料	3.84×10*	-0-
変性後、遺析した材料	7.72×10°	1.06×10*

第3表の結果から明らかなように、変性させたタンパク質溶液を透析するとHBcAg活性が増加する。それゆえ、透析は、実質的にHBcAg活性がなく有意のHBeAg活性を有する材料を得る方法としては適当ではない。材料を直接1:100に 希釈する方法を用いるべきである。

第3表において、抗原活性は、飲料を希釈因子により増幅して得られるAssinまたはcpmとして測定される。変性前に行なわれたアッセイはエンザイムイムノアッセイ(BIA)であり、その結果は

するフラクションをプールし、変性の工程まで保 管した。得られたショ糖勾配プールは、上述した HBcAgアッセイで試験したように、中位の程度 のHBcAg活性とともに有意のHBeAg活性を示 す。

上記フラクションを変性および希釈の工程に付すことにより、高いHBBAg活性を有し、HBCAg活性の欠けたポリペプチド最物が得られる。この工程には、カオトロープ剤、好ましくはBM塩酸グアニジン(GuHC1)中で組換えタンパク質を変性させ、続いて非変性剤、好ましくはヒト血酸中で速やかに希釈することが含まれる。

50mM Tris(pH 8.5)中の10M GuHC152m2を、蒸留水中の0.1M EDTA 4.0m2、蒸留水中の0.1Mジチオトレイトール(DTT)4.0m2、およびクローン16.4のシェ糖ブール5.0m2に加えた。この存放を混合し、45つの水俗中に置き、この温度で30分間インキュベートした。変性させたHBeAs存放を、直ちにヒト

希釈因子により増幅したAssaとして示されている。変性後に行なわれたアッセイはラジオイムノアッセイであり、それゆえ結果は試料を希釈因子により増幅したcpaとして表されている。非透析材料のHBcAs活性アッセイおけるに「-0-」の値は、試料のcpaがアッセイの基底値と等値であることを示している。

一般に、本発明による抗原の復元のための特定の条件の有効性は、ムシャウォーらの文献 [(Mushahwar et al、J. Med. Virol...2巻、77(1978)] に記載されているような HBeAgTツセイにおいてHBeAg活性が存在することに加えて、パーセルらの文献 [(Purceil et al. Intervirology, 2巻、231(1973)] に記載されているようなHBcAgTツセイで試験 されたときに、同じ材料について美質的にHBc Ag活性がないということによって決定することができる。

HBcAgアッセイは、文献記載のとおりに行った。高い抗HBc力値を有するが抗HBeの検出さ

特開昭63-185996 (12)

れない(市販のキット、アポット・ラポラトリーズにより決定)ヒト血清からの精製した I gG を、1/4インチのポリスチレンピーズ上にコーティングした。抗H B c A gのコーティング後度は I ①~3 O ng/miであった。これらのコーティングしたピーズを、試料とともに 4 0 ℃で 2 時間、または室風で一夜インキュペートした。ピーズを洗浄し、ついて、クロラミンTを用い」** I で振動するかまたはナカネ[Nakane、J. Histochem.

Cytochem., 22巻、1084(1974)]の方法により西洋ワサビベルオキンダーゼと複合した精製ヒト抗HBcとともにインキュベートした。40℃で2時間インキュベートしたのち、ビーズを批停し、RIAの手法により放射活性をカウントするか、またはEIAの手法によりOPD(Oフェニレンジアミン)を含む溶液中に加え、整温で30分間インキュベートしたのち、OPD溶液吸光度を分光光度計で測定した。

本実施例に記載された組換えDNA HBeAs は、陰性(negative)とト血漿中にさらに希釈し、

(カットオフ)と同等またはそれ以下のカウント/ 分または吸光度を有する試料は、反応性(「陽性」) とみなされる。

一般に、HBeAg中和邦の供給課はヒト血漿である。実施例5で製造された組換えDNA由来のHBeAg(組換えDNA HBeAg)は、ヒト血漿から単離されたHBeAgと免疫原性において同一である。組換えDNA HBeAgを含む中和剤は、抗HBeアッセイにおいてヒト血漿由来中和剤(hpHBeAg)の代わりに用いることができる。データは、抗HBe試験におけるRIAおよびEIAの両手法において、組換えDNA HBeAg中和剤を使用することによって血漿由来の中和剤を使用するよりも一層優れた感受性が得られることを示している。

B型肝炎表面抗原(HBsAg)に対し陽性と分析された試料を用いると、銀換えDNA HBeAg中和剤を血漿由来中和剤の代わりに用いた場合に、抗HBe RIA試験では98%の一致、抗HBe EIA試験では98%の一致、抗HBe 以下に記載する抗HBeイムノアッセイにおいて 中和剤として用いることができる。組換えDNA HBeAgはまた、標準タンパク機箱法(すなわち 真空透析)により機箱することができる。 実施例 6

抗HBb試験のRIAおよびEIAの両手法において、抗HBeでコーティングしたビーズを、患者の試料、およびHBeAgを含む中和剤とともに同時にインキュペートする。患者試料中に存在する抗HBeは、中和剤中のHBeAgがビーズに結合するのを妨げるであろう。この最初のインキュペーションの後、結合しなかった材料はビーズを洗浄することにより取り除く。ついでビーズを、126 Iで複職した抗HBe(RIA手法)かまたは西洋ワサビベルオキシダーゼと複合した抗HBe(EIA手法)を用いて第2工程でインキュペートする。RIA手法では、ビーズを洗浄し、値ちに放射活性をカウントする。EIA手法では、ビーズを洗浄し、値方に放射活性をカウントする。EIA手法では、ビーズを洗浄し、値方になけ、で吸光度を決定する。計算値

の一致しない試料は、血酸由来の中和剤を用いた 抗HBeについては陰性であったが、組換えDN A HBeAg中和剤を用いた抗HBeAgについて は陽性であった。これらの不一致は、組換えDN A HBeAg中和剤を用いたときに試験の感受性 が増大した結果によるものである。特異性は、H BeAg陰性の試料を試験することにより決定した。 データは、抗HBe EIA試験において、血漿 由来の中和剤と組換えDNA HBeAg中和剤と の間で99.7%の一致があることを示した。

組換えDNA HBeAg中和剤およびその等価 物である血漿由来の中和剤の特異性を証明するために、HBaAg酸性血情の約200試料における 抗HBeの頻度分布を調べた。

HBSAsを性血液における抗HBe反応性試料の頻度分布は、RIA(アポットHBe、アポット・ラポラトリーズ)については第9および10図に、EIA(アポットHBe EIA、アポット・ラポラトリーズ)については第11および12図にそれぞれ示されている。データは、%中和に対する

特開昭63-185996 (18)

級度(試料数)としてブロットされている。**両試験** における%中和は、以下のようにして決定される。

 $\% N = \frac{N C M - S M}{N C M - P C M} \times 100$

(式中、%Nは%中和、NCMは陰性対照平均、 SMは試料平均、PCMは陽性対照平均をそれぞ れ表す)

%中和が50%より大きいは料は、反応性とみなされる。

第4表に示すように、RIAにより試験した200個のHBsAs操性血情の集団において、組換えDNA HBeAs中和剤を用いたときに1個の試料が抗HBeに対して反応性であることがわかった。この試料は、カットオフ値をやっと上回っていた。血漿由来中和剤では、抗HBeAsに対して反応性の試料は見出されなかった。全体の一般は99.50%であった。

同じく第4表に示されているように、200個のHBsAs酸性試料をアポットHBe EIAで 試験したときに、どちらの中和利を用いてもすべ

和剤とを比較するために、200個の血精試料の HBSAg陽性集団における抗HBの顔度分布を 御定した。組換えDNA HBeAg中和剤および hpHBeAg中和剤を用いたRIAおよびBIAに おける抗HBe反応性試料の頻度分布を、第13、 14、15および16回にそれぞれ示す。

RIAにより試験したHBsAs陽性試料の集団において、現行の中和剤では64個の試料が陰性であった。組換えDNA HBeAs中和剤を用いると、60個の試料が陰性であった。第5表に示すように、両アッセイの間の一致度は98.0%である。

同じ集団をEIAで試験したときに、現行の中 和剤を用いると60個の試料が陰性であった。組 換えDNA HBeAg中和剤を用いると、58個 の試料が陰性であった。同じく第5表に示されて いるように、この場合の両アッセイの間の一致度 は99.0%である。 ての試料が酸性であった。したがって、一致は 100%であった。

第4表 HBsAs除佐集団

	ロ24代学団	
	和换人DNA	H BeA
	陽性	險性
陽性	0	0
險性	. 1	199
一歌	- 199/200 - 99.5	x
	組換えDNA	HBeAs
-	聯性	險性
陽性	0	0
險性	0	200
一数。	- 200/200 - 100x	
	験性 一致 陽性 験性	陽性 0 陰性 1 一致~199/200~99.5 組換えDNA 陽性

これらのデータは、陰性集団を評価したときに、 組換えDNA HBeAg中和剤を用いることが hpHBeAg中和剤と同様の特異性を示すものであ ることを証明している。

組換えDNA HBeAs中和剤とhpHBeAs中

第5表 HBsAs陽性集団:

		租換人DNA	HBeAs
		陽性	陰性
hpH B e A g	陽性	136	0
	險性	4	60
		196/200-	98.0x— <u>s</u>
		組換えDNA	H BoA g
		- 陽性	陰性
hpH B e A g	陽性	140	0
	險性	2	58
		198/200 -	99.0%一颗

これらの結果は、組換えDNA HBeAg中和剤とhpHBeAg中和剤との間の全体的な一致度が96.5%であることを示している。hpHBeAg中和剤を用いて陽性と分析されるすべての試料はまた、組換えDNA HBeAg中和剤を用いても陽性である。すべての一致しない試料はhpHBeAg中和剤を用いて陰性と分析されるが、組換え

特開昭63-185996 (14)

第6表

	アポット	the RIA	アポット抗HBe EIA		
試料	hpHBeAg	租换人DNA	hpHBeAg	粗换丸DNA	
		BBeAg		HBeAg	
1	1	4	2	8	
2	2.	2	1	4	
3	8	>16	4	8	
4	1	2	-	2	
5	4	4	1	8	

DNA HBeAg中和剤を用いると陽性と分析される。これらの試料はHBsAg陽性であることが知られているので、組換えDNA中和剤とhpHBeAg中和剤との間の不一致は、組換えDNA由来の中和剤を用いたことにより感受性が増大した結果である。

5 個の抗HBe陽性試料の倍散希釈体について、 hpHBeAg中和刺および組換えDNA HBeAg 中和剤の両方を用い、RIAおよびEIAにより アッセイした。

第6表に示すように、組換えDNA HBeAs 中和剤を用いた抗HBe試験は、5個の試料のすべてについて、現行の中和剤を用いた抗HBe試験と同等またはそれ以上の優れた感受性を示している。第6表は、アポット抗HBe RIAおよびEJAにおいて組換えDNA HBeAs中和剤を現行のhpHBeAs中和剤と比較した相互最終希釈倍数(reciprocal endpoint dilutions)を表す。

抗血清を製造するために、またはモノクローナル 抗体を製造するために動物を免疫するのに用いる ことができる。さらに、精製されたHBeAg胸製 物は、B型肝炎ウイルスの感染を防御するための ワクチンとして用いることができる。これらの抗 体は、患者におけるHBeAgまたはその対応する 抗体(抗HBe)の存在を検出するために、従来の ラジオイムノアッセイまたはエンザイムイアッ セイに組み込むことができる。主要な利点は、H BeAg類製物が選続的に得られることと、その均 一性にある。本発明に従って製造される精製組換 太HBeAgは、天然のHBeAgに比べて非常に安 定である。

実施例 7

本実施例においては、HBeAgに対する抗体を 検出するために本発明による組換えHBeAgを利 用した他のイムノアッセイについて記載する。

抗HBeを検出するための幾つかのイムノアッセイを、組換えDNA HBeAgを用いて展開した。その三つの例を以下に述べる。

これらのデータは、中和和に組換えDNA HBeAsを使用することによってphHBeAs中和剤よりも大きな感受性が得られることを示している。ここに記載した方法による組換えDNA由来のHBeAsの精製によれば、血清HBeAsの精製によるか、またはHBcAsの類似から一層複雑な工、程によりHBeAsを製造することにより得られるよりも、高度に精製されたHBeAs解製物が一層大量に一つの精製工程で得られる。

精製されたHBeAg解製物は、ポリクローナル

- A) 組換えDNA HBeAgは、HBeAgに対する依体を検出するためにサンドイッチアッセイに使用することができる。このアッセイでは、組換えDNA HBeAgでコーティングした個相(マイクロクイター、ポリスチレンビーズ、マイクロビーズ)を試料とともにインキュペートし、洗浄し、ついでRIAのために放射課職するかEIAのために酵素と複合した組換えDNA HBeAgを含む溶液と反応させる。
- B) 組換えDNA HBeAgは、コンペティティブイムノアッセイに用いることができる。このアッセイでは、組換えDNA HBeAgを図相上にコーティングし、試験試料および復職した抗HBeAgが体(ポリクローナルかまたはモノクローナル)とともにインキュペートする。もしHBeAgに対する抗体が試験試料中に存在するならば、この抗体は保険した抗HBeが図相に結合するのに対し拮抗するであろう。
- C) 組換えHBeAgを固相上にコーティング し、試験試料(ヒト血情)とともにインキュペート

特開昭63-185996 (15)

する。園相を洗浄し、ついでヤギ抗ヒト1gGやヤギ抗ヒトIgMのような無難した抗ヒト抗体とともにインキュペートする。

実施例8

精製した組換えDNA HBeAgは、抗血療を製造するために用いることができる。

放血情は、以下のようにして本発明による精製ポリペプチドを注射してウサギを免疫することによって特異的に製造することができる。最初の接種物は、抗原および完全フロインドアジュバントを含む。次の接種物は、抗原および、0・25 m2の不完全フロインドアジュバントを含む。動物から採血して血情を得る。ポリクローナル抗体は、アフィニティクロマトグラフィーにより血情から単離することができる。

実施例9

本発明によるモノクローナル抗体は、グリーン パーグら [Greenberg et al, Infect.Immun., 3 9巻、9 1 ~ 9 9 (1 9 8 3)] の方法に従い、 そこで用いられている免疫原養脂物を本発明によ

地図を表す。第2回は、プラスミドpHBV-8 のB型肝炎ウイルスコア遺伝子のヌクレオチド配 列を表す。第3回は、HBcAg産生用の組換えD NAの構築を設すフローチャートである。第4回 は、HBcAgを発現するクローンの構築を表すフ ローチャートである。第5回は、クローン12. 88bのコードストランドのヌクレオチド配列お よびそれから導き出されたアミノ酸配列を表す。 第6回は、クローン12.88bの欠失変異体の構 策を表すフローチャートである。第7回は、欠失 変異体構築物をもとのクローン [2.88bと比較 したものである。第8図は、クローン16.4の ヌクレオチド配列およびそれから導き出されたア ミノ酸配列を表す。第9団は、HBsAs酸性集団 で行なわれた抗HBe RIAにおける本発明に よる組換えDNA HBeAgの%中和の頻度分布 を表すグラフである。第10回は、HBSAs除住 集団で行なわれた抗HBe RIAにおけるヒト 血漿由来HBeAgの%中和の鎮度分布を表すグラ フである。第11回は、HBsAs酸性集団で行な

る機縮した組換えDNA HBeAgの溶液で置き 換えることによって製造することができる。

基本的に、モノクローナル抗体は、実施例5に記載したように免疫量の組換えDNA HBeAgタンパク質をマウスに注射することによって製造することができる。免疫された動物から脾解を取り、ポリエテレングリコールのような融合の「たとえばNS-1を動物をする。モノクローナル抗体を虚生するハイブリドーマ細胞をHAT培地中で選択を助なモノクローナル抗体は、上記ハイブリドーマ細胞なモノクローナル抗体は、上記ハイブリドーマ細胞なモノクローナル抗体は、上記ハイブリドーマのたを特徴した培地からアフィニティクロマトクのフィーによって単離することができる。これのは、HBeAsおよび抗HBeイムノアッセイを展開するために用いることができる。

4. 国面の簡単な説明

第1回は、プラスミドpHBV-8のB型肝炎 ウイルスDNA挿入体の制限エンドスクレアーゼ

われた抗HBe EIAにおける本発明による組 換えDNA HBeAsの%中和の頻度分布を表す グラフである。第12団は、HBSAg陰性集団で 行なわれた抗HBe EIAにおけるヒト血漿由 未HBeAgの%中和の頻度分布を表すグラフであ る。第13回は、HBSAS陽性集団で行なわれた 抗HBe RIAにおけるヒト血漿由来HBeAs の%中和の額度分布を表すグラフである。第14 図は、HBsAs陽性集団で行なわれた抗HBe R J Aにおける本発明による組換えDNA HBe Agの%中和の頻度分布を表すグラフである。館 15回は、HBsAs陽性集団で行なわれた抗HBe EIAにおけるヒト血漿由来HBeAgの%中和の 頻度分布を表すグラフである。第16回は、 HBsAs陽性集団で行なわれた抗HBs EIA における本発明による担換えDNA HBeAgの %中和の額度分布を表すグラフである。

特許出版人 アポット・ラボラトリーズ 代 理 人 弁理士 青山 葆 (ほか1名)

特開昭63-185996 (16)

FIG. 2

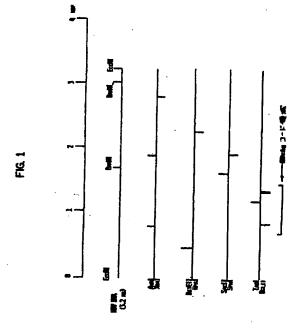
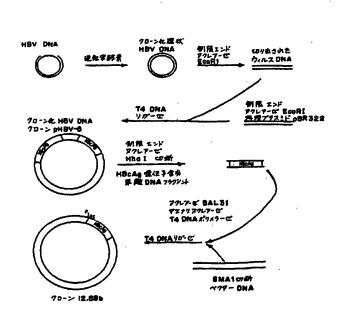


FIG. 3



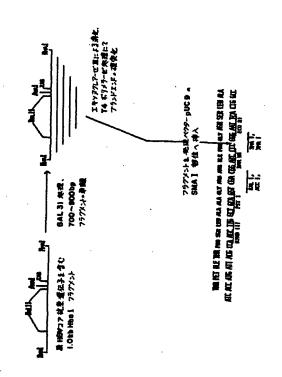
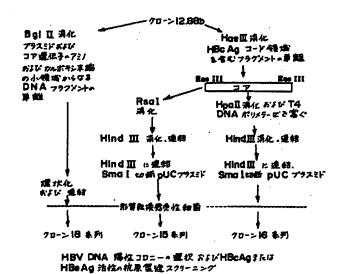


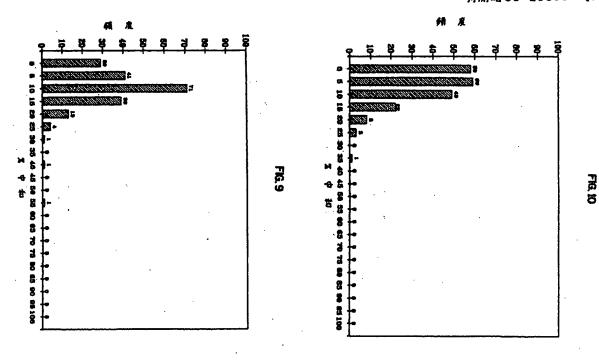
FIG. 4

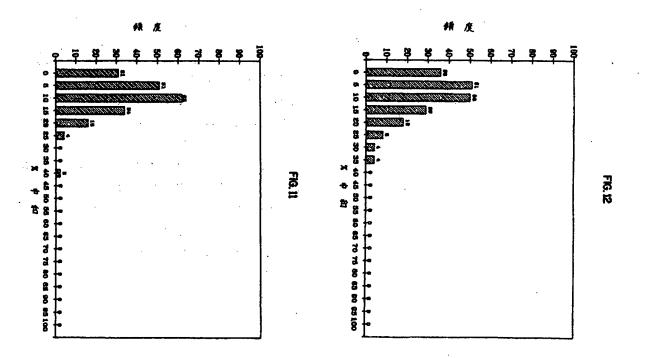
FIG. 6



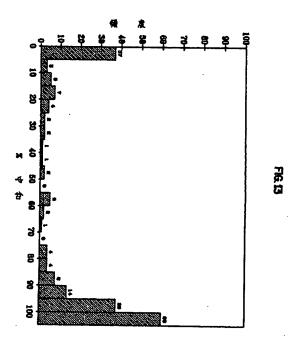
1 = F = ŝ 1 = = \$ 7/7 (塩本対) * Ξ 3 2 2 3 ģş #

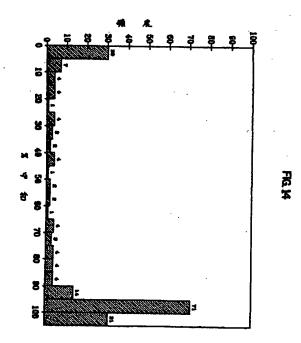
FIG. 8

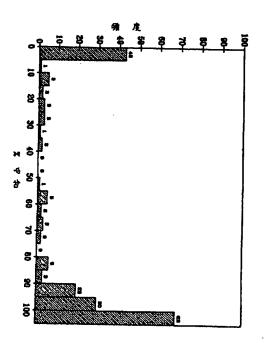




特開昭63-185996 (19)







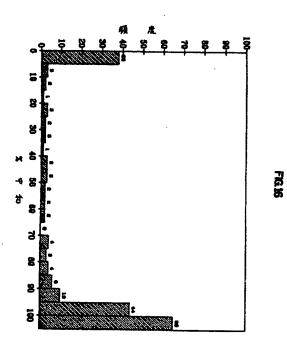


FIG. 15

特開昭63-185996 (20)

第1]	質の統	ŧ		
(3)	int.Cl.	4	識別記号	庁内整理番号
C	07 K 12 N	15/04 5/00 15/00		8318-4H B-6760-4B C-8412-4B
С	12 P	21/00 21/02		A-8412-4B D-6712-4B C-6712-4B
C G	12 Q 01 N	1/00 33/576 33/577		6807-4B B-7906-2G
(0	12 P 12 R 12 P	21/00 1:91) 21/00		B-7906-2G
•	12 R	1:19)		
砂発	明す	き ジョ トラ	ナサン・エム・ス ー	アメリカ合衆国イリノイ 60050、マッケンリー、クリー クサイド 105番